

软件参数

circRNA-seq 分析软件说明

使用说明	软件名称	版本	主要参数
比对	bowtie2	version 2.0.6	-very-sensitive
比对情况统计	HTseq-count	version 0.6.0.	-m union -s reverse
比对情况统计	circos	version v0.62-1	default
NR数据库比对	blastx	version 2.2.28	default
质控	ng_qc	version 1.0	default
比对	hisat2	version 2.0.4	-dta -rna-strandness RF
链特异性分析, 比对情况统计	RSeQC	version 2.3.9	default
BAM □SAM文件处理	samtools	version: 0.1.18	default
参考基因组处理	bedtools	version v2.19.1	default
比对	BWA-mem	version 0.7.8-r455	mem -t 4 -T 19
circRNA筛选	CIRI2	version 1.2	default
circRNA筛选	CIRI AS	version 1.1	default
circRNA筛选	find_circ	version 1.1	default
KEGG富集分析	kobas	version 2.0	Corrected P-Value<0.05
GO富集分析	GOSeq,topGO	version 2.12	EnrichmentMethod: Wallenius hmmscan Padjust: BH Corrected P-Value<0.05
植物miRNA鉴定	psRobot	version 1.2	-p 1
动物miRNA鉴定	miRanda	version 3.3a	-sc 140 -en -10 -scale 4 -strict
无生物学重复的样品差异分析	DEGSeq	version 1.12.0	log2foldchang>1 or log2foldchang< -1 && qvalue<0.05
有生物学重复的样品差异分析	DESeq2	version 1.10.1	padj<0.05

注：仅供客户研究时参考，分析内容和方法以结题报告为准